



TITLE:

アミノアシルtRNA合成酵素の系統解析で示すミトコンドリアのモザイク起源

AUTHOR(S):

浜口, 悠貴

CITATION:

浜口, 悠貴. アミノアシルtRNA合成酵素の系統解析で示すミトコンドリアのモザイク起源. 京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステム研究成果報告書 2019, 2018: 86-86

ISSUE DATE:

2019-03

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/241211>

RIGHT:

アミノアシル tRNA 合成酵素の系統解析で示すミトコンドリアのモザイク起源

Phylogenetic analysis of aminoacyl tRNA synthetases to demonstrate the mosaic origin of mitochondria

東京大学大学院新領域創成科学研究科メディカル情報生命専攻 浜口 悠貴

研究成果概要

本研究では、京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステムを利用し、真核生物 81 生物種・古細菌 80 生物種・細菌 149 生物種の合計 310 生物種の ARS20 種類を取得し、RAxML の最尤法を用いて系統解析を用いて、真核生物のミトコンドリア ARS の由来を明らかにすることを試みた。解析の結果、以下の3点が示唆された。

- ①ミトコンドリア ARS は数多くの α - proteobacteria 以外の細菌が由来である。
- ②真核生物のスーパーグループ毎にミトコンドリア ARS の由来となる細菌が異なる。
- ③ミトソームやハイドロジェノソームのようなミトコンドリア退化オルガネラを持つ真核生物で、ミトコンドリア ARS が数種類保持されている。

今後は引き続き PSI-BLAST を用いた相同性検索を行い、21 番目のアミノ酸セレノシステイン(Sep)に対応する ARS である、SepRS が真核生物・古細菌・細菌にどのように分布しているかを明らかにし、RAxML などの最尤法を用いてミトコンドリア ARS と細菌 ARS の系統関係を明らかにしていく。さらに、HMMER や MEME を用いてドメインとモチーフ構造を探索し、MMSeq2 を用いた配列クラスタリングの解析を行うなど bioinformatics 解析を適宜行っていく、ミトコンドリア ARS が α - proteobacteria だけではなく様々な細菌由来になった所以について探っていく。

発表論文(謝辞なし) 修士論文(科学)

Phylogenetic analysis of aminoacyl tRNA synthetases to demonstrate the mosaic origin of mitochondria